

台灣芭蕉倍數性的研究¹

邱輝龍^{2,5} 陳榮芳³ 許圳塗⁴ 張滄茱⁴

摘要

邱輝龍、陳榮芳、許圳塗、張滄茱。2010。台灣芭蕉倍數性的研究。台灣農業研究 59:78–85。

本研究證實台灣芭蕉 [*Musa formosana* (Warb.) Hayata] 的染色體數為 $2n = 22$ ，綜合先前形態特性調查資料，將台灣芭蕉歸類為 *Eumusa* 宗的二倍體野生種香蕉植物。以流式細胞儀測得台灣芭蕉體細胞核內 DNA 含量為 1.387 pg/2C，基因組大小約為 669.23 Mbp/2C，相較於尖蕉 (*M. acuminata*) 的 A 基因組與拔蕉 (*M. balbisiana*) 的 B 基因組大小，分別高出 18%與 26%。基因組大小的資料不僅可應用於不同物種的鑑定，尚可預測基因組間植株雜交後裔的基因組組成，而應用於雜交後裔的早期檢定。

關鍵詞：台灣芭蕉、染色體數、基因組大小、流式細胞技術、野生香蕉。

前言

回顧人類從事作物遺傳改良的歷史，栽培作物的野生種及其近緣種 (crop wild and relatives, CWR) 扮演了舉足輕重的角色 (Harlan 1976; Stalker 1980; Hajjar & Hodgkin 2007; Heywood *et al.* 2007; Damania 2008)，其中本土性之作物野生近緣種更具有優勢。隨著經濟發展、人口增加與氣候變遷等，台灣地區許多野生種原的棲息地已遭破壞，益顯野生種原保育的重要性 (Yen 1995)。面對本土物種遺傳資源的快速流失，蒐集與保存本土作物野生近緣種是維持基因多樣性的方法之一。

建立完整且詳實的種原特性資料有助於種原材料的交換與鑑定，也是保護珍稀及本土遺傳資源的基礎 (Rogers *et al.* 1975; Engle 1994; Nakagahra 1994; Häkkinen *et al.* 2007b)。雖然分子標誌已廣泛應用於描述物種的遺傳特徵，然而形態特徵、染色體數及細胞核基因組大小仍是描述物種遺傳特性的基礎。台灣芭蕉 [*Musa formosana* (Warb.) Hayata] 是台灣原生的野生種香蕉植物 (Hayata 1917; Kao & Lai 1976; Ying 2000)，廣泛分布於台灣本島山區 (Liaw 1992; Chiu *et al.* 2004)，其植物學描述 (Kao & Lai 1976; Ying 2000) 與形態性狀資料已建立 (Chiu *et al.* 2004, 2007)，但其染色體數與細胞核基因組大小尚待確認。本研究發展芭蕉屬

1. 行政院農業委員會農業試驗所研究報告第 2398 號。接受日期：99 年 5 月 28 日。
2. 本所作物種原組助理研究員。台灣 台中縣 霧峰鄉。
3. 中央研究院植物暨微生物研究所研究員。台北市。
4. 國立台灣大學園藝系教授與前研究生。台北市。
5. 通訊作者，電子郵件：chl@tari.gov.tw；傳真機：(04)23331705。

(*Musa* L.) 植物高解析度染色體製備流程，觀察台灣芭蕉的體細胞染色體數，同時應用流式細胞技術 (flow cytometry) 檢測其細胞核基因組大小，建立其細胞學特性資料，做為保護本土物種遺傳資源之依據。

材料與方法

材料

參試之台灣芭蕉採自桃園石門地區，拔蕉 (*M. balbisiana*) 取自台灣大學試驗農場之實生苗，而尖蕉 (*M. acuminata*) 與三倍體栽培種‘北蕉’ [*Musa* sp. cv. ‘Pei-chiao’ (AAA)] 則取自台灣香蕉研究所所保存的二倍體種原及其所生產的組織培養苗。這些材料分別定植於農業試驗所種原保存圃，俟植株生長一年後進行採樣。

染色體數鏡檢觀察

在中午 (12:30–13:30) 時間採取台灣芭蕉幼嫩根尖，隨後浸於 2 mM 8-Hydroxyquinoline Sulfate (8-HQ) 溶液，在 18°C 黑暗中震盪處理 3–4 小時；以二次水清洗 3 次，每次 2–3 分鐘，然後浸於新鮮配備的 Farmer’s 溶液 (95% ethanol:acetic acid = 3:1)，於室溫下放置 24 小時；接著以二次水清洗 3 次，然後加入水解酵素溶液 (6% pectinase 與 6% cellulose 溶在 75 mM KCl, pH = 4)，於 37°C 處理 72 分鐘，進行細胞軟化與解離；隨後滴上新鮮配備的固定液 (甲醇：冰醋酸 = 3：1)，將根尖組織均勻塗在載玻片上，片子風乾後以 Giemsa [0.99 g/cm³ Giemsa 溶液 (Merck, Germany)：1/15 M Na₂HPO₄：KH₂PO₄ = 1：10：10) (Comings 1975) 染色 20 分鐘，水洗後風乾並封上蓋玻片，隨後置於放大倍率 1000 倍之顯微鏡下鏡檢。記錄染色體形態及數目，並觀察 5 個細胞以上，經確定染色體形態與數目後，照相記錄。共檢視 3 處採集地之植株。

基因組大小的測定

切取 70 mg 展開葉，加入 1 mL Galbraith

lysis buffer {45 mM MgCl₂·H₂O, 30 mM sodium citrate, 20 mM MOPS [(3-(N-morpholino)-propanesulfonate)], and 1% Triton X-100; pH = 7.0} (Galbraith *et al.* 1983)。Galbraith lysis buffer 使用前需先加入 5 μL/mL 2-mercaptoethanol。然後將葉片切成小碎片，以 30 μm nylon mesh 過濾，再以 50 μg/mL RNase 於 37°C 下處理 30 分鐘。

樣品測量前先以 50 μg/mL propidium iodide 染色，並加入雞紅血球細胞核 (Chicken red blood cell nuclei, CRBC; 2.50 pg/2C) 當作標準品 (Tiersch *et al.* 1989)，然後以 Elite ESP (Beckman and Coulter Inc., Hong Kong) 流式細胞儀 (flow cytometer) 分析 DNA 含量。其光源為 15 mW 488 nm Argon 雷射，發射光譜為 600–640 nm (Lai & Chen 2002)。每樣品均分析 10,000 個細胞核。每份材料每重複分析 3 植株，共 3 重複。為避免儀器誤差，每重複在不同天進行。

芭蕉屬植物細胞核的相對 DNA 含量 (DNA content) 依下列公式計算：

$$2C \text{ nuclear DNA content} = 2.500 \times [(G_0/G_1 \text{ peak mean of } Musa)/(G_0/G_1 \text{ peak mean of chicken red blood cell nuclei})]$$

資料分析

試驗調查所得資料利用 SAS 軟體 (Version 8.2, 2002) 進行統計分析。

結 果

染色體數

台灣芭蕉的體細胞染色體數為 $2n = 22$ (圖 1)，染色體短小，約 1.5–3.0 μm，多數為中位中節 (metacentric) 或近近端中節 (sub-acrocentric) 染色體，有一對衛星染色體 (satellite chromosome) (圖 1，箭頭標示處)。

基因組大小

以流式細胞儀分析芭蕉屬物種之細胞核基

因組 DNA 含量，可描繪出兩個波峰，其中一個波峰代表芭蕉屬物種之 G_0/G_1 期間細胞核內 DNA 含量，另一個波峰則代表雞紅血球細胞之 G_0/G_1 期間細胞核內 DNA 含量 (圖 2)。試驗結果顯示，4 種參試材料的細胞核內 DNA 含量呈顯著差異 (表 1)，A 基因組中‘北蕉’的 DNA 含量最高 (1.741 pg)，且是尖蕉 (1.173 pg) 的 1.48 倍，符合參試材料所代表的倍數性。而二倍體台灣芭蕉的 DNA 含量 (1.387 pg) 是尖蕉的 1.18 倍，B 基因組拔蕉 (1.096 pg) 的 1.26 倍。將 DNA 含量的資料轉換成基因組大小 (Bennett & Smith 1976)，台灣芭蕉的基因組大小為 669.23 Mbp，較 A 基因組 (尖蕉及‘北蕉’) 的 560.99–565.97 Mbp 與 B 基因組 (拔蕉) 的 528.82 Mbp 均大些 (表 1)。

討 論

由於芭蕉屬物種的基因組與染色體較小，不容易以傳統鏡檢方法確定其染色體數 (Dolež'el *et al.* 1994; Lys'ak *et al.* 1999; Osuji *et al.* 1997)，雖然流式細胞技術可以精確量測芭蕉屬物種的細胞核 DNA 含量 (Dolež'el *et al.* 1994)，然而製備高解析度的染色體樣品仍為染色體層次的遺傳學分析所必需 (Osuji *et al.* 1996, 1997, 2006; Dolež'el *et al.* 1998a; Dolež'elov'a *et al.* 1998; Häkkinen *et al.* 2007b)。

本研究利用水解酵素軟化台灣芭蕉根尖細胞之細胞壁可以得到分散良好的細胞分裂中期 (metaphase) 的染色體，觀察結果顯示台灣芭蕉的染色體數為 $2n = 22$ (圖 1)，未來可利用此方法製備染色體樣品，進一步以螢光原位雜合技術 (fluorescent in situ hybridization, FISH) 標誌基因或特定 DNA 片段在染色體上的位置，有助於描述台灣芭蕉基因組的特徵。

芭蕉屬物種的染色體基數大部分為 $x = 11$ 或 10，傳統上配合形態性狀歸類為 *Eumusa* Baker ($x = 11$)、*Rhodochlamy* Sagot ($x = 11$)、

Callimusa Cheesman ($x = 10$) 及 *Australimusa* Cheesman ($x = 10$) 等 4 宗 (section) (Cheesman

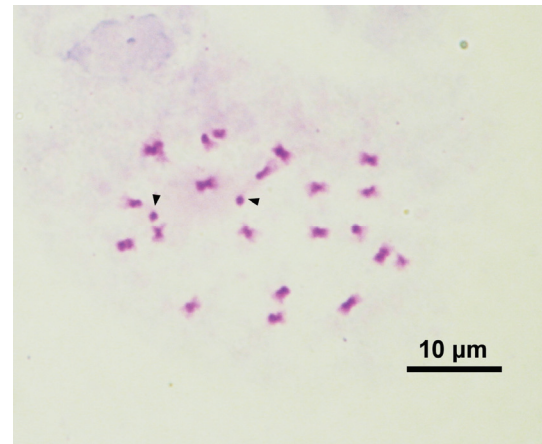


圖 1. 台灣芭蕉的體細胞染色體 (箭頭標示為衛星染色體)。

Fig. 1. Photomicrograph of a mitotic metaphase of *Musa formosana*, $2n = 22$. (arrowheads indicate satellite chromosome, bar = 10 μ m)

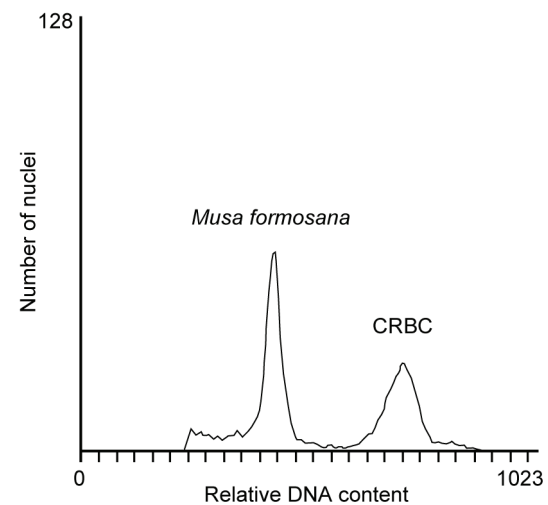


圖 2. 台灣芭蕉細胞核相對 DNA 含量測量值分佈圖。

Fig. 2. Profile of relative nuclear DNA contents of nuclei from leaf tissue of *Musa formosana* and the chicken red blood cell nuclei (CRBC).

表 1. 芭蕉屬植物之體細胞核內 DNA 含量與其基因組大小

Table 1. The DNA content and genome size of somatic nucleus (2C) of *Musa* spp. estimated by flow cytometry

Species (genome)	2C DNA content (pg) ^z	Genome size (Mbp) ^y
<i>M. formosana</i> (FF)	1.387 b ^x	669.23
<i>M. acuminata</i> (AA)	1.173 c	565.97
<i>M. balbisiana</i> (BB)	1.096 c	528.82
<i>Musa</i> sp. cv. 'Pei-chiao' (AAA)	1.741 a	560.99
LSD ($\alpha = 0.05$)	0.165	-

^z Chicken red blood cell nuclei (DNA content = 2.50 pg/2C) as internal standards for reference.

^y 1 pg DNA = 965 Mbp (Bennett & Smith 1976).

^x Means followed by a common letter in same column are not significantly different at $p < 0.05$ by LSD.

1947; Shepherd 1990; Ude *et al.* 2002; Häkkinen 2004; Häkkinen & Väre 2008; Häkkinen 2009), 但 Wong *et al.* (2001, 2002) 及 Nwakanma *et al.* (2003) 依據分子遺傳標誌資料建議應將 4 宗改成 *Eumusa-Rhodochlamy* ($x = 11$) 及 *Callimusa-Australimusa* ($x = 10$) 等 2 宗。Wong *et al.* (2003) 進一步提出 2 宗 4 群分類系統, 即在 *Eumusa* 宗設置 *acuminata* 與 *ornata* 等 2 群 ($x = 11$), 而在 *Callimusa* 宗設置 *coccinea* 與 *textilis* 等 2 群 ($x = 10$)。至於染色體基數為 $x = 7$ 的 *M. ingens* (Simmonds 1962; Argent 1976) 歸類於 Argent (1976) 增設的 *Ingentimusa* Argent 宗, 而基數為 $x = 9$ 的 *M. beccarii* var. *beccarii* 和 var. *hottana* (Simmonds 1956, 1960; Shepherd 1959; Bartoš *et al.* 2005; Häkkinen *et al.* 2005; Häkkinen *et al.* 2007a), 目前則歸類於 *Callimusa* 宗 (Simmonds & Weatherup 1900; Häkkinen 2004)。

由於台灣芭蕉的染色體數為 $2n = 22$ (圖 1), 其花序與果實生長方向及小花排列等形態特徵 (Chiu *et al.* 2004), 較符合 *Eumusa* 宗的花序半下垂 (semi-pendent)、果實彎曲 (curved) 朝花序先端 (rachis) 方向生長及小花雙列 (biseriate) 等特徵 (Cheesman 1947), 而與 *Rhodochlamy* 宗的花序直立、果實未彎曲生長及小花單列 (uniseriate) 等特徵 (Cheesman

1947; Häkkinen 2009) 差異較大, 且果肉中充滿種子 (Chiu *et al.* 2004), 證實台灣芭蕉為隸屬於 *Eumusa* 宗的二倍體野生種香蕉植物。

以流式細胞儀測得台灣芭蕉體細胞核內 DNA 含量為 1.387 pg, 基因組大小約為 669.23 Mbp, 較二倍體尖蕉的 A 基因組與拔蕉的 B 基因組大小高出 18% 與 26%, 且 3 基因組大小間呈顯著差異 (表 1)。一般而言, 選用適當與正確的標準品是準確測定基因組大小的關鍵 (Doležal 1997; Doležal *et al.* 1997, 1998b; Doležal & Bartoš 2005), 常用的標準品有雞紅血球細胞核 (CRBC), 但其 DNA 含量受性別與雜交等因素所影響。Doležal *et al.* (1992) 建立多種植物的基因組大小當作標準品, 惟至今仍無大家可接受的共同標準品, 因此各實驗室所測得的資料並無法做比較 (Doležal 1997; Doležal *et al.* 1997, 1998b; Doležal & Bartoš 2005)。本研究以 CRBC 為標準品, 所測得的 A 與 B 基因組大小 (分別為 565.97 Mbp 及 528.82 Mbp) 較 Doležal *et al.* (1994) 所測的值 (分別為 602.75 Mbp 及 552 Mbp) 為小, 造成此種差異的原因可能是 Doležal *et al.* (1994) 取以人類男性白血球 (male human leucocytes) 校正的大豆 (*Glycine max*) DNA 含量為標準品, 且兩者所使用的流式細胞儀機型也不同。雖然如此, Doležal *et al.* (1994) 的研究中 A 與 B 基因組大

小比值為 1.07，而本研究為 1.09，兩研究之比值相當地接近。相似的比值也出現在 Lys'ak *et al.* (1999)、Kamat'e *et al.* (2001) 與 Bartos' *et al.* (2005) 的研究，其 A 與 B 基因組大小比值依序為 1.12、1.09 與 1.10。因此可以確定台灣芭蕉的基因組大小較 A 基因組與 B 基因組高出 18% 與 26%。

Dolez'el *et al.* (1994) 及 Lys'ak *et al.* (1999) 建議可利用基因組大小的差異來區分芭蕉屬 A 與 B 基因組，而由 13 組共顯性的 SSR 引子對對 *malaccensis* 亞種尖蕉、*microcarpa* 亞種尖蕉、拔蕉與台灣芭蕉分析的資料亦指出，台灣芭蕉與尖蕉 (A 基因組) 及拔蕉 (B 基因組) 為不同的物種 (Chiu *et al.* 2007)。綜合前述資料顯示，基因組大小的資料不僅可應用於 3 種不同基因組的鑑定，尚可預測基因組間植株雜交後裔的基因組組成，而應用於雜交後裔的早期檢定。

誌 謝

本研究承中央研究院植物暨微生物研究所鍾副研究員美珠指導染色體製片技術與慨借相關試驗器材，文成復蒙審閱斧正，謹致謝忱。

引用文獻 (Literature cited)

- Argent, G. C. G. 1976. The wild bananas of Papua New Guinea. *Notes R. Bot. Gard. Edinb.* 35:77-114.
- Bartos', J., O. Alkhimova, M. Dolez'elov'a, E. De Langhe, and J. Dolez'el. 2005. Nuclear genome size and genomic distribution of ribosomal DNA in *Musa* and *Ensete* (Musaceae). *Cytogen. Genome Res.* 109:50-57.
- Bennett, M. D. and J. B. Smith. 1976. Nuclear DNA amounts in angiosperms. *Phil. Trans. R. Soc. Lond. B* 274:227-274.
- Cheesman, E. E. 1947. Classification of the bananas. II. The genus *Musa* L. *Kew Bull.* 2:106-117.
- Chiu, H. L., C. T. Shii, T. L. Chang, S. W. Lee, and M. J. Fan. 2004. Morphological characterization of *Musa formosana* (Warb.) Hayata. *J. Agric. Res. China* 53:207-216. (in Chinese with English abstract)
- Chiu, H. L., H. C. Chen, and C. T. Shii. 2007. Genetic relationship between *Musa formosana* (Warb.) Hayata and banana progenitors based on morphological traits and SSR markers. *J. Taiwan Soc. Hort. Sci.* 53:173-184. (in Chinese with English abstract)
- Comings, D. E. 1975. Mechanisms of chromosome banding. IV. Optical properties of the Giemsa dyes. *Chromosoma (Berl.)* 50:89-110.
- Damania, A. B. 2008. History, achievements, and current status of genetic resources conversation. *Agron. J.* 100:9-21.
- Dolez'el, J. 1997. Application of flow cytometry for the study of plant genomes. *J. Appl. Genet.* 38:285-302.
- Dolez'el, J., M. A. Lys'ak, I. Van Den Houwe, M. Dolez'elov'a, and N. Roux. 1997. Use of flow cytometry for rapid ploidy determination in *Musa* species. *Infomusa* 6:6-9.
- Dolez'el, J., M. Dolez'elov'a, and F. J. Novak. 1994. Flow cytometric estimation of nuclear DNA amount in diploid bananas (*Musa acuminata* and *M. balbisiana*). *Biol. Plant.* 36:351-357.
- Dolez'el, J., M. Dolez'elov'a, N. Roux, and I. Van Den Houwe. 1998a. A novel method to prepare slides for high resolution chromosome studies in *Musa* spp. *Infomusa* 7:3-4.
- Dolez'el, J. and J. Bartos'. 2005. Plant DNA flow cytometry and estimation of nuclear genome size. *Ann. Bot.* 95:99-110.
- Dolez'el, J., J. Greilhuber, S. Lucretti, A. Meister, M. A. Lys'ak, L. Nardi, and R. Obermayer. 1998b. Plant genome size estimation by flow cytometry: inter-laboratory comparison. *Ann. Bot.* 82 (suppl. A):17-26.
- Dolez'el, J., S. Sgorbati, and S. Lucretti. 1992. Comparison of three DNA fluorochromes for flow cytometric estimation of nuclear DNA content in plants. *Physiol. Plant.* 85:625-631.
- Dolez'elov'a, M., M. Valarik, R. Swennen, J. P. Horry, and J. Dolez'el. 1998. Physical mapping of the 18S-25S and 5S ribosomal RNA genes in diploid bananas. *Biol. Plant.* 41:497-505.
- Engle, L. M. 1994. The management of vegetable germplasm collection. p.29-48. in the Proceeding of Symposium on Plant Germplasm Conservation: Perspectives for the 2000s. Taiwan Agricultural Research Institute Pub. Taichung.

- Galbraith, D. W., K. R. Harkin, J. M. Maddox, N. M. Ayres, D. P. Sharma, and E. Firoozabady. 1983. Rapid flow cytometric analysis of the cell cycle in intact plant tissues. *Science* 220:1049–1051.
- Hajjar, R. and T. Hodgkin. 2007. The use of wild relatives in crop improvement: a survey of developments over the last 20 years. *Euphytica* 156:1–13.
- Häkkinen, M. 2004. *Musa voonii*, a new *Musa* species from northern Borneo and discussion of the section *Callimusa* in Borneo. *Acta Phytotax. Geobot.* 55: 79–88.
- Häkkinen, M. 2009. Lectotypification of two *Musa* sections (Musaceae). *Nord. J. Bot.* 27:207–209.
- Häkkinen, M., C. H. Teo, and Y. R. Othman. 2007a. Genome Constitution for *Musa beccarii* N. W. Simmonds (Musaceae) varieties. *Acta Phytotax. Sin.* 45:69–74.
- Häkkinen, M. and H. Väre. 2008. Typification and check-list of *Musa* L. names (Musaceae) with nomenclatural notes. *Adansonia* 30:63–112.
- Häkkinen, M., M. Suleiman, J. Gisil. 2005. *Musa beccarii* Simmonds (Musaceae) varieties in Sabah, northern Borneo. *Acta Phytotax. Geobot.* 56:137–142.
- Häkkinen, M., P. Suchankova, M. Dolež'elov'a, E. Hribova, and J. Dolež'el. 2007b. Karyological observation in *Musa beccarii* var. *hottana* (Musaceae). *Acta Phytotax. Geobot.* 58:112–118.
- Harlan, J. R. 1976. Genetic resources in wild relatives of crops. *Crop Sci.* 16:329–333.
- Hayata, B. 1917. *Musa formosana* (Warb.) Hayata. p.83. *in: General Index to the Flora of Formosa, Supplement to Icones Plantarum Formosandarum VI.* (Hayata, B., ed.) Formosan Bureau of Productive Industries, Government of Formosa. Japan.
- Heywood, V., A. Casas, B. Ford-Lloyd, S. Kell, and N. Maxted. 2007. Conservation and sustainable use of crop wild relatives. *Agric. Ecosyst. Environ.* 121: 245–255.
- Kamat'e, K., S. Brown, P. Durand, J-M. Bureau, D. De Nay, and T. H. Trinh. 2001. Nuclear DNA content and base composition in 28 taxa of *Musa*. *Genome* 44:622–627.
- Kao, M. T. and M. J. Lai. 1976. Musaceae. p.827–830. *in: Flora of Taiwan.* (Li, H. L., T. S. Liu, T. C. Huang, T. Koyama, and C. E. DeVol, eds.) 1st ed. Epoch Publish Co. Press. Taipei.
- Lai, Y. C. and L. F. O. Chen. 2002. Flow cytometric analysis of nuclear cell cycle phases in relation to plant regeneration in *Petunia hybrida*. *J. Genet. Mol. Biol.* 13:13–20.
- Liaw, M. J. 1992. Investigation on Electrophoretic Patterns of SkDH and PGD Isozymes of *Musa* Germplasm and Native in Taiwan. Master Thesis. National Taiwan University. Taipei. 170 pp. (in Chinese with English abstract)
- Lys'ak, M. A., M. Dolezelova, J. P. Horry, R. Swennen, and J. Dolezel. 1999. Flow cytometric analysis of nuclear DNA contents in *Musa*. *Theor. Appl. Genet.* 98:1344–1350.
- Nakagahra, M. 1994. Operations and management of the national plant germplasm system in Japan. p.17–28. *in the Proceeding of Symposium on Plant Germplasm Conservation: Perspectives for the 2000s.* Taiwan Agricultural Research Institute Pub. Taichung.
- Nwakanma, D. C., M. Pillay, B. E. Okoli, and A. Tenkouano. 2003. Sectional relationship in the genus *Musa* L. inferred from the PCR-RFLP of organelle DNA sequences. *Theor. Appl. Genet.* 107:850–856.
- Osuji, J. O., B. E. Okoli, and H. O. Edeoga. 2006. Karyotypes of the A and B genomes of *Musa* L. *Cytologia* 71:21–24.
- Osuji, J. O., B. E. Okoli, and R. Ortiz. 1996. An improvement procedure for mitotic studies of *Eumusa* section of the genus *Musa* L. (Musaceae). *Informusa* 5:12–14.
- Osuji, J. O., G. Harrison, J. Crouch, and J. S. Heslop-Harrison. 1997. Identification of genomic constitution of *Musa* L. lines (bananas, plantains and hybrids) using molecular cytogenetics. *Ann. Bot.* 80:787–793.
- Rogers, D. J., B. Snoad, and L. Seidewitz. 1975. Documentation for genetic resources centers. p.399–405. *in: Crop Genetic Resources for Today and Tomorrow* (Frankel, O. H. and J. G. Hawkes, eds.) Cambridge University Press. London.
- SAS Institute Inc. 2002. SAS/STAT Guide for Personal Computers. Version 8.2. SAS Institute Inc., Cary, NC. 943 pp.
- Shepherd, K. 1959. Two new basic chromosome numbers in Musaceae. *Nature* 183:1539.
- Shepherd, K. 1990. Observations on *Musa* taxonomy. p.158–165. *in the Proceeding of Symposium on Identification of Genetic Diversity in the Genus*

- Musa*. International Network for the Improvement of Banana and Plantain Pub. Montpellier.
- Simmonds, N. W. 1956. Botanical results of the banana expedition, 1954–5. *Kew Bull.* 3:463–488.
- Simmonds, N. W. 1960. Notes on banana taxonomy. *Kew Bull.* 14:198–212.
- Simmonds, N. W. 1962. *The Evolution of the Bananas*. Longmans Press. UK. 170 pp.
- Simmonds, N. W. and S. T. C. Weatherup. 1990. Numerical taxonomy of the wild bananas (*Musa*). *New Phytol.* 115:567–571.
- Stalker, H. T. 1980. Utilization of wild species for crop improvement. *Adv. Agron.* 33:111–147.
- Tiersch, T. R., R. W. Chandler, S. S. Wachtel, and S. Elisa. 1989. Reference standards for flow cytometry and application in comparative studies of nuclear DNA content. *Cytometry* 10:706–710.
- Ude, G., M. Pillay, D. Nwakanma, and A. Tenkouano. 2002. Analysis of genetic diversity and sectional relationships in *Musa* using AFLP markers. *Thero. Appl. Genet.* 104:1239–1245.
- Wong, C., R. Kiew, A. Lamb, O. Set, S. K. Lee, L. H. Gan, and Y. Y. Gan. 2001. Sectional placement of three Bornean species of *Musa* (Musaceae) based on amplified fragment length polymorphism (AFLP). *Gard. Bull. Singapore* 53:327–341.
- Wong, C., R. Kiew, G. Argent, O. Set, S. K. Lee, and Y. Y. Gan. 2002. Assessment of the validity of the sections in *Musa* (Musaceae) using AFLP. *Ann. Bot.* 90:231–238.
- Wong, C., R. Kiew, G. Argent, O. Set, S. K. Lee, and Y. Y. Gan. 2003. The genetic relations of *Musa* species from Mount Jaya, New Guinea, and a reappraisal of the sections of *Musa* (Musaceae). *Gard. Bull. Singapore* 55:97–111.
- Yen, H. F. 1995. A Study of Wild Species Related to Important Horticultural Crops in Taiwan. Ph. D. Thesis. National Taiwan University, Taipei. 474 pp. (in Chinese with English abstract)
- Ying, S. S. 2000. Musaceae. p.704–706. *in*: Flora of Taiwan. 2nd ed. (Editorial Committee of the Flora of Taiwan, ed.) Editorial Committee of the Flora of Taiwan Pub. Taipei.

Study on Ploidy of *Musa formosana* (Warb.) Hayata in Taiwan¹

Hui-Lung Chiu^{2,5}, Long-Fang O. Chen³, Chou-Tou Shii⁴, and Yu-Chu Chang⁴

Abstract

Chiu, H. L., L. F. O. Chen, C. T. Shii, and Y. C. Chang. 2010. Study on ploidy of *Musa formosana* (Warb.) Hayata in Taiwan. *J. Taiwan Agric. Res.* 59:78–85.

The chromosome number and genome size of *Musa formosana* (Warb.) Hayata were analyzed. *M. formosana* had a diploid number of $2n = 22$ and is placed in section *Eumusa* to conform to the previous morphological studies. Nuclear DNA content or genome size of *M. formosana* was estimated to be 1.387 pg or 669.23 Mbp per 2C, which was larger than that of A and B genome by 18% and 26%, respectively. The difference in genome size estimated by flow cytometry can discriminate different genomes, which is reliable to identify species and to predict the genome constitution of their hybrids.

Key words: *Musa formosana*, Chromosome number, Genome size, Flow cytometry, Wild banana.

-
1. Contribution No.2398 from Taiwan Agricultural Research Institute (TARI), Council of Agriculture. Accepted: May 28, 2010.
 2. Assistant Researcher, Plant Germplasm Division, TARI, Wufeng, Taichung, Taiwan, ROC.
 3. Research Fellow, Institute of Plant and Microbial biology, Academia Sinica, Taipei, Taiwan, ROC.
 4. Professor and Ex-graduated student, Department of Horticulture, National Taiwan University, Taipei, Taiwan, ROC.
 5. Corresponding author, e-mail: chl@tari.gov.tw; Fax: (04)23331705.